

Untersuchung essentieller Gene des Fumonisin-Biosyntheseweges in Isolaten unterschiedlicher *Fusarium*-Arten

A.-M. Eisold, O. Martinez-Lopez, S. von Barga, M. Goßmann und C. Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften,

Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55 /57, D-14195 Berlin

phytomedizin@agrar.hu-berlin.de

Fumonisine der Gruppe B (FB) sind gesundheitlich relevante Mykotoxine, aufgrund der hohen natürlichen Abundanz, die in pflanzlichen Produkten erreicht werden können. Diese Sekundärmetabolite können sowohl in der menschlichen als auch tierischen Ernährung durch Akkumulation im Organismus zu chronischen Vergiftungen führen und besitzen außerdem kanzerogene Eigenschaften.

F. proliferatum zählt neben *F. verticillioides* zu den bedeutendsten Fumonisin-Produzenten. Ebenso sind Isolate von *F. oxysporum*, *F. redolens* und *F. subglutinans* als Fumonisin-Bildner beschrieben.

In 44 Isolaten der potentiell Fumonisin bildenden Arten, die aus verschiedenen Wirtspflanzen wie Spargel, Mais, Erbse, Miscanthus u.a. stammten, wurden durch PCR essentielle Gene der Fumonisin-Biosynthese (*fum1*, Polyketidsynthase und *fum8*, Aminoacyltransferase) nachgewiesen. Weiterhin wurden die amplifizierten Genabschnitte auf genetische Heterogenität untersucht. Der Nachweis der Fum-Gene gelang in allen 18 Isolaten von *F. proliferatum* und einigen Isolaten von *F. oxysporum*, *F. redolens*, *F. subglutinans* und *F. verticillioides*. In mehr als 50 % der untersuchten Isolate waren sowohl *fum1* als auch *fum8* nachweisbar. Damit gehören diese *Fusarium*-Isolate in den Kreis der potentiellen Fumonisin-Bildner. Spezifisch amplifizierte *fum1*- und *fum8*-PCR-Produkte der *Fusarium*-Isolate wurden mit Restriktionsendonukleasen behandelt, die nach Datenbank-Analyse in verschiedenen *Fusarium*-Arten unterschiedliche Schnittstellen in den amplifizierten *fum1*- und *fum8*-Genabschnitten aufweisen. Die 525 bp langen *fum1*-Fragmente zeigten in den untersuchten Isolaten ein einheitliches Bandenmuster bis auf eine Ausnahme. Ein aus Mais stammendes Isolat wies lediglich eine AluI-Schnittstelle auf im Gegensatz zu allen anderen *F. proliferatum* Proben, die zweimal geschnitten wurden. Alle untersuchten 801 bp langen *fum8*-Fragmente von *F. proliferatum*-Isolaten aus Spargel wiesen keine durch die verwendeten Restriktionsenzyme detektierbare genetische Heterogenität auf.